

Q 型烟粉虱东地中海种群遗传多样性的 mtCOI 与 SSR 分析

高长生^{1,2}, 国栋¹, 刘国霞¹, 陶云荔¹, 张友军³, 褚栋^{1,*}

(1. 山东省农业科学院高新技术研究中心, 山东省作物与畜禽品种改良生物技术重点实验室, 济南 250100;

2. 青岛农业大学农学与植物保护学院, 山东青岛 266109; 3. 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘要: 前期研究表明入侵我国山东的 Q 型烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Genn.) 种群来源于西地中海地区而非来源于东地中海地区。为了揭示 Q 型烟粉虱的入侵遗传机制, 本研究进一步利用线粒体 COI (mtCOI) 基因与 6 个具有多态性的微卫星位点 (SSR) 分析了东地中海 Q 型烟粉虱 (Q1 支系与 Q2 支系) 种群的遗传多样性, 并与西地中海种群遗传多样性的前期研究结果进行了比较分析。基于 mtCOI 基因与微卫星标记分析结果表明, 东地中海种群与西地中海种群一样也具有较高的遗传多样性, 然而两个地区种群存在着遗传异质性。不同入侵性种群遗传结构的比较研究将为进一步解析外来种群的入侵生理生态机制奠定基础。

关键词: Q 型烟粉虱; 生物入侵; 遗传多样性; 线粒体 COI; 微卫星标记; 地中海地区

中图分类号: Q968 **文献标志码:** A **文章编号:** 0454-6296(2011)12-1416-07

Genetic diversity analysis of the Q-biotype populations of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) from the Eastern Mediterranean regions using mtCOI and microsatellite markers

GAO Chang-Sheng^{1,2}, GUO Dong¹, LIU Guo-Xia¹, TAO Yun-Li¹, ZHANG You-Jun³, CHU Dong^{1,*}

(1. High-tech Research Center, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, China; 2. College of Agronomy and Plant Protection, Qingdao Agricultural University, Qingdao, Shandong 266109, China; 3. Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: Our earlier study showed that *Bemisia tabaci* biotype Q in Shandong, China, originated from the Western Mediterranean rather than the Eastern Mediterranean. To uncover the invasion mechanism of biotype Q, we analyzed the genetic diversity of the Q-biotype populations from the Eastern Mediterranean using the mtCOI gene and 6 highly polymorphic microsatellite loci, and compared the diversity to that of the Western Mediterranean Q-biotype populations. The results showed that the genetic diversity indices of the populations from this region were as high as those from the Western Mediterranean, and did not exhibit a significant difference. However, genetic heterogeneity existed within the populations in the two regions. The comparison of the genetic structure of populations, in native ranges and with different invasiveness, will be helpful to further reveal the physiological and ecological mechanisms of the invading alien populations.

Key words: *Bemisia tabaci* biotype Q; biological invasion; genetic diversity; mtCOI; microsatellites; Mediterranean region

多年来, 人们试图通过入侵种的传入种群与原产地种群遗传多样性的比较研究来揭示外来种群成功入侵的遗传学基础, 至今尚未有明确定论 (施雯等, 2010)。近年来, 一些学者提出, 许多入侵种

的原产地种群具有地理偏倚性, 即这些入侵种在其原产地常由具有遗传分化的不同支系或姊妹种或特定地理种群组成, 但是仅有一部分种群成为了入侵种群 (Tsutsui *et al.*, 2001; Chu *et al.*, 2006; Caldera

基金项目: 山东省杰出青年基金项目 (JQ200811); 国家自然科学基金项目 (31071747); 国家重点基础研究发展规划项目 (2009CB119200)

作者简介: 高长生, 男, 1984 年生, 山东青州人, 主要从事生物入侵与农业害虫防治, E-mail: gaoshangsheng120@163.com

* 通讯作者 Corresponding author, E-mail: chinachudong@sina.com

收稿日期 Received: 2011-07-11; 接受日期 Accepted: 2011-11-21

et al., 2008; Winkler *et al.*, 2008)。这可能涉及多种因素, 其中外来种的快速进化日益引起了人们的关注, 而这种快速进化的能力可能与原产地种群密切相关。因此, 原产地种群的遗传结构及其微生境分布的特征分析是揭示种群入侵性的第一步。原产地不同入侵性种群遗传结构的比较研究, 成为了揭示外来种入侵机制的新视角, 将会为进一步解析入侵种群的生活史特征、生态机制(如生理忍耐性差异)等奠定基础(Winkler *et al.*, 2008)。

烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius) 是一种重要的农业害虫, 其 B 型与 Q 型两生物型入侵性较强、分布较广。近年来, 一些学者建议将 B 型和 Q 型烟粉虱提升为不同的物种(De Barro *et al.*, 2011)。本文为了论述方便, 同时为了保持与前人资料的一致性, 仍分别简称为 B 型和 Q 型烟粉虱。B 型烟粉虱入侵世界各国较早, 而 Q 型烟粉虱则是近 10 年来在世界许多国家如中国、美国、日本等发现的另一种入侵烟粉虱(De Barro *et al.*, 2011)。20 世纪 90 年代中后期, B 型烟粉虱传入我国造成了严重的经济损失, 在很长的一段时期内是我国农区主要的烟粉虱生物型(Chu *et al.*, 2006)。2003 年, Q 型烟粉虱在云南昆明地区首次发现(Chu *et al.*, 2006), 随后在许多省份发现了这种烟粉虱的危害。资料表明, 2007 年前 B 型烟粉虱是我国多数农区的主要烟粉虱生物型, 而 2007 年后 Q 型烟粉虱在许多农区已经取代 B 型烟粉虱成为了主要的烟粉虱生物型(Ahmed *et al.*, 2009; Chu *et al.*, 2010a, 2010b; Teng *et al.*, 2010; Wang *et al.*, 2010; Rao *et al.*, 2011; Hu *et al.*, 2011; Pan *et al.*, 2011)。

Q 型烟粉虱的入侵机制成为了人们关注的科学问题之一。Q 型烟粉虱起源于地中海周边地区, 在地中海一带许多国家广泛分布(De Barro *et al.*, 2011)。基于线粒体单倍型与微卫星(SSR)等位基因比较, 我们发现我国(山东省)Q 型烟粉虱的来源种群具有地理偏倚性, 即均来源于西地中海地区; 而 Q 型烟粉虱东地中海种群则没有传入山东省(Chu *et al.*, 2011)。研究还发现, Q 型烟粉虱西地中海种群线粒体多样性指数显著高于山东省 Q 型烟粉虱入侵种群, 而核基因(基于 SSR 标记)多样性指数没有显著差异(Chu *et al.*, 2011)。因此, 原产地 Q 型烟粉虱非来源种群(东地中海种群)与来源种群(西地中海种群)遗传结构的比较研究, 对于进一步揭示 Q 型烟粉虱成功入侵机制具有重要的理论意义。

本文报道了入侵我国山东的 Q 型烟粉虱非来源种群(东地中海种群)的线粒体遗传多样性与核基因多样性的结果, 并进一步将其与来源种群-Q 型烟粉虱西地中海种群的遗传多样性(Chu *et al.*, 2011)进行了比较分析, 最后探讨了我国 Q 型烟粉虱入侵的遗传机制。

1 材料与方法

1.1 供试昆虫

Q 型烟粉虱东地中海种群样品(表 1), 由澳大利亚 Paul De Barro 博士提供, 包括希腊 3 个种群, 埃及 1 个种群, 意大利 1 个种群, 苏丹 1 个种群, 克罗地亚 5 个种群, 波黑 1 个种群和塞浦路斯 1 个种群。样品放在 95% 乙醇液体中, -20°C 保存。上述样品均经线粒体细胞色素氧化酶 I(mtCOI)测序以及系统树分析证明是 Q 型烟粉虱。

1.2 单头烟粉虱 DNA 提取、PCR 反应条件及电泳检测

单头烟粉虱 DNA 提取方法参照褚栋等(2005)。mtCOI PCR 反应体系及反应程序参照 Chu 等(2011)。取 5 μL PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶(含 EB)电泳后, 紫外灯下成像检测。选取有条带的个体进行测序。从微卫星位点中(De Barro *et al.*, 2003; Tsagkarakou and Roditakis, 2003), 筛选出对 Q 型烟粉虱具有较高多态性的 6 个微卫星位点(表 1)。PCR 反应体系及反应程序参照 De Barro 等(2003)。PCR 产物上样于 7.0% 的变性聚丙烯酰胺凝胶中, 在 $1\times\text{TBE}$ 缓冲液、恒定功率 70 W 进行电泳后, 进行银染。根据等位基因片段大小, 判断等位基因。除希腊 GR1 种群和 GR3 种群分别为 5 头和 10 头重复外, 其他微卫星分析种群每个位点均重复 15 头。

1.3 数据处理与统计分析

将本研究中 Q 型烟粉虱东地中海种群 mtCOI 序列与西地中海种群及山东省种群(Chu *et al.*, 2011)的 mtCOI 序列(长度为 447 bp)进行分析。单倍型的查找采用软件 DnaSP 5.0(Librado and Rozas, 2009)。单倍型网络图由软件 NETWORK 4.5(Bandelt *et al.*, 1999)进行绘制。

Q 型烟粉虱东地中海种群线粒体多样性分析中, 仅计算测试个体数大于 5 的样本多样性指数: 多态位点的个数(S); 突变位点(η); 单倍型数量(H); 平均核苷酸差异(K); Jukes 和 Cantor 校正的

表 1 东地中海地区 Q 型烟粉虱种群样品

Table 1 Samples of *Bemisia tabaci* Q-biotype populations distributed across the Eastern Mediterranean

采集地点 Collecting site	种群编号 Population code	采集时间 Collecting date	寄主 Host plant	测试个体数 Number of individuals tested	
				mtCOI	SSR
希腊 Greece	GR1	2007.5	黄瓜 Cucumber	8	5
希腊 Greece	GR2	2007.6	甜瓜 Melon	8	
希腊 Greece	GR3	2007.6	甜瓜 Melon	9	10
埃及 Egypt	EG5	1996	马樱丹 Lantana	2	
意大利 Italy	IT7	2004	番茄 Tomato	1	
苏丹 Sudan	SD13	—	—	3	
克罗地亚 Croatia	HR14	2001.9	一品红 Poinsettia	3	13
克罗地亚 Croatia	HR15	2001.9	黄瓜 Cucumber	5	
克罗地亚 Croatia	HR16	2001.9	—	1	
克罗地亚 Croatia	HR17	2001.10	一品红 Poinsettia	4	15
克罗地亚 Croatia	HR18	2007.10	一品红 Poinsettia	9	15
波黑 Bosnia & Herzegovina	BA19	2007.10	茄子 Eggplant	9	15
塞浦路斯 Cyprus	CY	2006	棉花 Cotton	8	15

表 2 本研究使用的 6 对微卫星位点引物及退火温度

Table 2 Six sets of primers and their annealing temperatures used in this study

微卫星位点 Microsatellite locus	引物序列(5′-3′) Primer sequence	退火温度(℃) Annealing temperature
BEM6	F: TTACACTTAACACCAGAACT R: GATGGCTTATGTTATAATACTA	50
BEM11	F: TTCAATGATGCTTTCTCTGAC R: CAAATAAAATACACCATTTACA	50
BEM18	F: TCAGGATTCGGCCGGCTAT R: CATTCAATTTGCGCTGTAGATT	50
BEM25	F: AAGTATCAACAAATTAATCGTG R: TGAAGAATAAGAATAAAGAAGG	60
BEM31	F: AAGAACTAGCCAGGGACAAAC R: GTCATTTCTGGATTCTCAGCA	55
BEM37	F: TGACGACCTGAGGCTGAGAG R: TGCAACGGCAACAGCAAGCAA	50

π 值[π (JC)]。基于微卫星位点的核基因多样性分析中,用软件 POPGENE version 1.31 (Yeh *et al.*, 1999)对不同种群的遗传多样性指数进行了计算:每个位点的平均等位基因数(N_a)、有效等位基因(N_e)、观察杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)以及 *Nei's* 期望杂合度。计算了该地区线粒体多样性与核基因多样性的平均值,并与西地中海地区种群多样性指数 (Chu *et al.*, 2011) 分别进行了显著性

分析。

2 结果与分析

2.1 Q 型烟粉虱原产地种群与我国山东省入侵种群单倍型网络图

由单倍型网络图中可以发现(图 1),无论是东地中海地区还是西地中海地区,Q 型烟粉虱种群有

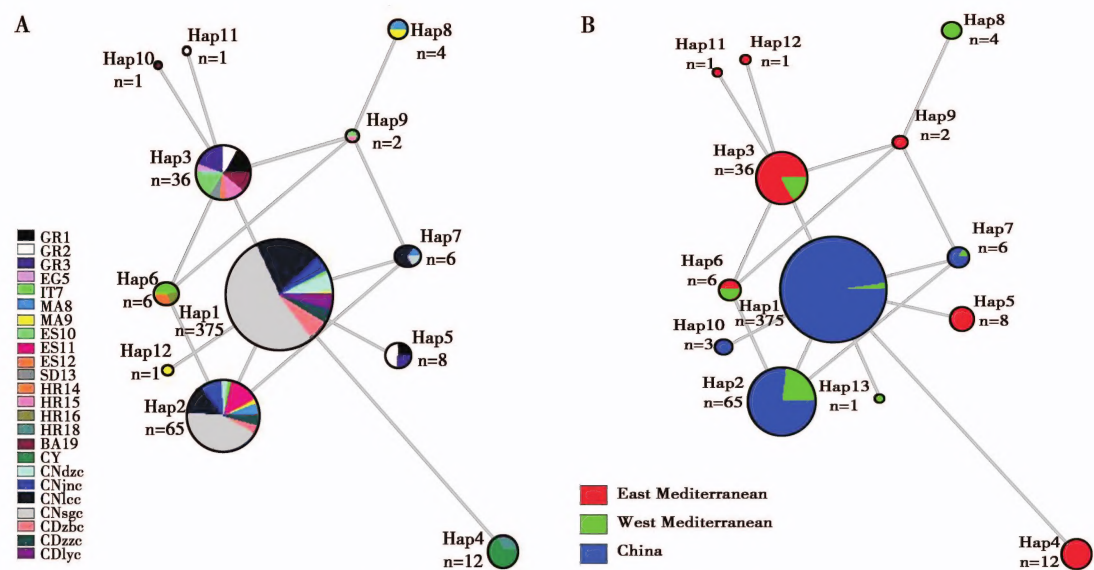


图 1 Q 型烟粉虱 mtCOI 基因单倍型网络图

Fig. 1 *Bemisia tabaci* biotype Q mtCOI haplotype network

圆面积代表具有相同单倍型的个体数量, 弧形面积代表各样品种群在同一单倍型中所占的比例。图 A 以种群水平绘制, 图 B 是以地区范围绘制的。西地中海种群 (Western Mediterranean) 包括摩洛哥、西班牙种群; 东地中海种群 (Eastern Mediterranean) 包括意大利、克罗地亚、波黑、埃及、苏丹、希腊和塞浦路斯种群; 中国种群包括德州 (CNdzc)、济南 (CNjnc)、聊城 (CNlcc)、寿光 (CNsgc)、淄博 (CNzbc)、枣庄 (CNzcc) 及临沂 (CNzcc) 棉花种群。The area of each colored pie diagram reflects the number of individuals of each haplotype and coloured segments represent the proportion of the same haplotype that occurs in each sampling region. Fig. A was drawn on the level of populations. Fig. B was drawn on the level of regions. The Western Mediterranean populations include Moroccan and Spanish populations, while the Eastern Mediterranean populations include populations from Italy, Croatia, Bosnia and Herzegovina, Egypt, Sudan, Greece, and Cyprus. Chinese populations include the cotton populations from Dezhou (CNdzc), Jinan (CNjnc), Liaocheng (CNlcc), Shouguang (CNsgc), Zibo (CNzbc), Zaozhuang (CNzcc) and Linyi (CNzcc).

表 3 Q 型烟粉虱东地中海种群基于 mtCOI 与 SSR 的遗传多样性指数

Table 3 Diversity indices of *Bemisia tabaci* Q-biotype populations from the Eastern Mediterranean region based on mtCOI and SSRs

种群 (测试个体数, mtCOI/SSR) Populations (Number of individuals tested, mtCOI/SSR)	mtCOI							SSR				
	<i>S</i>	η	<i>H</i>	<i>Hd</i> (SD)	π (SD)	<i>K</i>	π (JC)	<i>Na</i>	<i>Ne</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Nei</i>
Q1												
GR1 (8/5)	2	2	2	0.429(0.169)	0.001918 (0.001713)	0.857	0.002	2.1667	1.8521	0.3000	0.3889	0.3500
GR2 (8/ -)	3	3	3	0.679(0.122)	0.003116 (0.002424)	1.393	0.003					
GR3 (9/10)	2	2	2	0.389(0.164)	0.001740 (0.001578)	0.778	0.002	2.1667	1.8704	0.2500	0.4307	0.4083
HR14 (-/13)								1.6667	1.4417	0.1667	0.2600	0.2490
HR15 (5/ -)	1	1	2	0.400(0.237)	0.000895 (0.001138)	0.400	0.001					
HR17 (-/15)								1.8333	1.6550	0.0889	0.2897	0.2800
BA19 (9/15)	1	1	2	0.556(0.090)	0.001240 (0.000200)	0.556	0.001	3.1667	2.1755	0.2762	0.4714	0.4552
Q2												
HR18 (9/15)	2	2	2	0.222(0.166)	0.000990(0.000074)	0.444	0.001	2.6667	1.6371	0.2000	0.3111	0.3007
CY (8/15)	0	0	1	0.000(0.000)	0.000000(0.000000)	0	0	2.6667	2.0405	0.2838	0.3959	0.3821

S: 多态位点的个数 Number of polymorphic (segregating) sites; η : 总的突变位点 Total number of mutation loci; *H*: 单倍型数量 Number of haplotypes; *Hd*: 单倍型多态性 Haplotype diversity; π : 核酸多样性 Nucleotide diversity; *K*: 平均核苷酸差异 Average number of nucleotide differences; π (JC): Jukes 和 Cantor 校正的 π 值 Nucleotide diversity with Jukes and Cantor correction; *Na*: 每个位点的平均等位基因数 Average number of alleles per locus; *Ne*: 有效等位基因 Effective number of alleles; *Ho*: 观察杂合度 Observed heterozygosity; *He*: 期望杂合度 Expected heterozygosity; *Nei*: Nei's 期望杂合度 Nei's (1973) expected heterozygosity.

着丰富的单倍型。然而, 2 个地区仅有 2 个共享单倍型, 东地中海种群含有 6 个特有单倍型, 西地中海种群含有 5 个特有单倍型, 即 2 个地区存在着单倍型异质性。在山东省仅发现 3 种单倍型 (Hap1, Hap2 与 Hap7), 这些单倍型均可在西地中海地区 [包括摩洛哥 (MA8 和 MA9) 和西班牙 (ES11 和 ES12)] 发现, 而在东地中海地区没有发现。

2.2 基于 mtCOI 与 SSR 的 Q 型烟粉虱东地中海种群遗传多样性分析

研究表明 Q 型烟粉虱具有明显的遗传分化, Chu 等 (2008a) 基于 mtCOI 基因将其分为 Q1 支系与 Q2 支系。在上述单倍型中, 西地中海种群中的克罗地亚种群 (HR18)、塞浦路斯种群 (CY) 属于 Q2 遗传支系, 其他个体属于 Q1 遗传支系。因此, 我们在本研究中仅比较了东地中海、西地中海种群中 Q1 支系的遗传多样性。

基于 mtCOI 和 SSR 的遗传多样性参数 (表 3) 可以看出, 与西地中海种群相似 (Chu *et al.*, 2011), 东地中海地区种群均具有丰富的遗传多样性。基于 mtCOI 标记, 东地中海种群的 Hd 平均值为 0.491, 与西地中海种群 (Hd 平均值为 0.415) 无显著性差异 ($P > 0.05$)。基于 SSR 标记, 东地中海种群的 He 平均值为 0.368, 与西地中海种群 (He 平均值为 0.468) 也没有显著性差异 ($P > 0.05$) (图 2)。

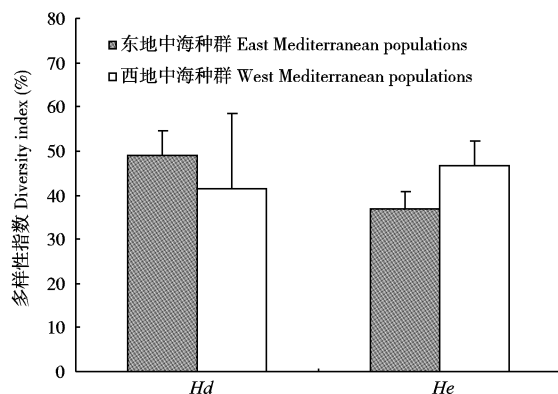


图 2 Q 型烟粉虱东地中海种群与西地中海种群的遗传多样性

Fig. 2 Genetic diversity of *Bemisia tabaci* Q-biotype populations from the Eastern Mediterranean and Western Mediterranean regions

Hd : 单倍型多态性 (基于 mtCOI) Haplotype diversity based on mtCOI; He : 期望杂合度 (基于 SSR) Expected heterozygosity based on SSRs. 西地中海种群数据来自 Chu 等 (2011)。The data for the populations from the Western Mediterranean originate from Chu *et al.* (2011).

3 讨论

在我国, Q 型烟粉虱的成功入侵与其竞争取代

B 型烟粉虱密切相关的。自 2003 年以来, B 型烟粉虱逐年被 Q 型烟粉虱取代并成为了我国许多农区的主要烟粉虱生物型 (Ahmed *et al.*, 2009; Chu *et al.*, 2010a, 2010b; Teng *et al.*, 2010; Wang *et al.*, 2010; Rao *et al.*, 2011; Hu *et al.*, 2011; Pan *et al.*, 2011)。这说明, Q 型烟粉虱比 B 型烟粉虱在我国具有更强的适应性, 这包括 Q 型烟粉虱对新烟碱类杀虫剂等具有更强的抗药性, 对某些作物具有更强资源利用能力等 (褚栋等, 未发表资料)。Q 型烟粉虱种群的遗传结构研究对揭示其适应性具有重要的意义。通过 RAPD (褚栋等, 2007)、ISSR (Chu *et al.*, 2008b)、SSR (褚栋等, 未发表材料) 等核基因标记对 Q 型、B 型烟粉虱 2 种烟粉虱入侵种群遗传结构的比较研究, 这些研究均表明入侵我国的 Q 型烟粉虱种群具有比 B 型烟粉虱更高的遗传多样性, 提示较高的遗传多样性可能为 Q 型烟粉虱的抗药性、寄主适应性等提供了遗传学基础, 进而部分解释了当前 Q 型烟粉虱在我国农区取代 B 型烟粉虱成为主要烟粉虱物种的现象。相对于来源种群-西地中海种群而言, 山东省 Q 型烟粉虱种群线粒体遗传多样性显著降低, 然而核基因 (基于微卫星分子标记) 遗传多样性没有显著降低 (Chu *et al.*, 2011)。这些结果似乎表明核基因可能在外来种群在入侵生态适应过程中起着更为重要的作用。这与上述核基因标记对 B 型、Q 型种群遗传多样性的分析结果及其推测 (褚栋等, 2007, 2008b) 是一致的。

入侵种在原产地有许多种群, 仅有一部分种群成为了入侵种群, 涉及的因素可能有: (1) 这些种群入侵的生境与原产地生境类似; (2) 传入种群在新生境中具有可塑性反应或生理耐性; (3) 传入种群面对选择压力能够快速进化 (Lee and Gelembiuk, 2008)。其中, 外来种的快速进化日益引起了人们的关注, 而这种快速进化的能力可能与原产地种群密切相关。原产地不同入侵性遗传支系或种群群体遗传结构的比较研究, 是揭示外来种入侵机制的新视角。在本研究中, 通过 Q 型烟粉虱原产地非来源种群 (东地中海种群) 的遗传多样性分析以及与原产地来源种群 (西地中海种群) 遗传多样性 (Chu *et al.*, 2011) 的比较表明, 非来源种群 (东地中海种群) 与来源种群 (西地中海种群) 无论是线粒体多样性指数还是核基因多样性指数都较高, 二者都没有显著差异。这与入侵种真宽水蚤 *Eurytemora affinis* 的情况不同: 在原产地, 具有入侵性的大西洋支系遗传多样性指数 (单倍型多样性 Hd 为 0.930, 核苷

酸多样性 π 为 0.0054) 高于非入侵性北大西洋支系的多样性指数(分别为 0.779 和 0.0037)(Winkler *et al.*, 2008)。这些事例表明, 遗传多样性可能不能直接揭示不同种群的入侵性。当然, 也存在另一种可能性, 即 Q 型烟粉虱东地中海种群也具有类似的入侵性, 只是目前我们尚未发现其在某些地区的入侵。

本研究中, 线粒体基因单倍型网络关系分析(图 1)与微卫星等位基因分析(Chu *et al.*, 2011)均表明: Q 型烟粉虱在原产地东地中海种群(非入侵种群)、西地中海种群(入侵种群)均具有较高的遗传异质性, 且均含有许多特有的单倍型或微卫星等位基因。同时, 西地中海种群比东地中海种群具有较多的特有微卫星等位基因(核基因)(Chu *et al.*, 2011), 这些不同的核基因可能是 Q 型烟粉虱入侵种群快速进化的遗传学基础。原产地种群中较高的核基因多样性可能存在隐蔽遗传变异(cryptic genetic variation, CGV)。这些 CGV 在原产地生境下对于正常表型没有影响, 在新的环境下或有新等位基因传入时可以改变表型(Gibson and Dworkin, 2004; Lee and Gelembiuk, 2008)。我们推测, 具有 CGV 的西地中海种群在传入我国新的生境环境下(例如杀虫剂的使用、广泛的寄主植物等)表现出新的表型, 如寄主适应性、抗药性等, 进而为其成功入侵以及取代 B 型烟粉虱奠定了基础。

那么, Q 型烟粉虱入侵种群快速进化的动力是什么呢? 种群遗传学分析表明, 斑马纹贻贝 *Dreissena polymorpha* (Gelembiuk *et al.*, 2006)、真宽水蚤(Winkler *et al.*, 2008)、阿根廷蚂蚁 *Linepithema humile* (Tsutsui *et al.*, 2001)、红火蚁 *Solenopsis invicta* (Caldera *et al.*, 2008) 等许多入侵种群来自于原产地人类或自然干扰较多的地区。外来种快速进化的能力可能源于该物种种群在原产地的生态干扰(Lee and Gelembiuk, 2008)。我国山东省 Q 型烟粉虱入侵种群的适应性能力是否与西地中海种群受到较多干扰有关, 有待于进一步的研究。

致谢 澳大利亚 CSIRO 昆虫所 De Barro PJ 博士为本研究提供烟粉虱样本, 在此表示感谢!

参 考 文 献 (References)

Ahmed MZ, Shatters RG, Ren SX, Jin GH, Mandour NS, Qiu BL, 2009. Genetic distinctions among the Mediterranean and Chinese populations of *Bemisia tabaci* Q biotype and their endosymbiont

- Wolbachia* populations. *J. Appl. Entomol.*, 133 (9 - 10): 733 - 741.
- Bandelt HJ, Forster P, Röhl A, 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol. Biol. Evol.*, 16 (1): 37 - 48.
- Caldera EJ, Ross KG, DeHeer C, Shoemaker DD, 2008. Putative native source of the invasive fire ant *Solenopsis invicta* in the USA. *Biol. Invasions*, 10: 1457 - 1479.
- Chu D, Chen GF, Xu BY, Wu QJ, Zhang YJ, 2007. Genetic structure analysis of *Bemisia tabaci* biotypes B and Q using RAPD. *Acta Entomologica Sinica*, 50(3): 264 - 270. [褚栋, 陈国发, 徐宝云, 吴青君, 张友军, 2007. 烟粉虱 B 型和 Q 型群体遗传结构的 RAPD 分析. 昆虫学报, 50(3): 264 - 270]
- Chu D, Gao CS, De Barro P, Zhang YJ, Wan FH, 2011. Investigation of the genetic diversity of an invasive whitefly in China using both mitochondrial and nuclear DNA markers. *Bull. Entomol. Res.*, 101: 477 - 486.
- Chu D, Wan FH, Tao YL, Liu GX, Fan ZX, Bi YP, 2008a. Genetic differentiation of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) biotype Q based on mitochondrial DNA markers. *Insect Science*, 15: 115 - 123.
- Chu D, Wan FH, Xu BY, Wu QJ, Zhang YJ, 2008b. Comparative analysis of population genetic structure in *Bemisia tabaci* (Gennadius) biotypes B and Q based on ISSR marker. *Agricultural Sciences in China*, 7(11): 101 - 105.
- Chu D, Wan FH, Zhang YJ, Brown JK, 2010a. Change in the biotype composition of *Bemisia tabaci* in Shandong Province of China from 2005 to 2008. *Env. Entomol.*, 39: 1028 - 1036.
- Chu D, Zhang YJ, Brown JK, Cong B, Xu BY, Wu QJ, Zhu GR, 2006. The introduction of the exotic Q biotype of *Bemisia tabaci* (Gennadius) from the Mediterranean region into China on ornamental crops. *Fla. Entomol.*, 89(2): 168 - 174.
- Chu D, Zhang YJ, Wan FH, 2010b. Cryptic invasion of the exotic *Bemisia tabaci* biotype Q occurred widespread in Shandong Province of China. *Fla. Entomol.*, 93: 203 - 207.
- De Barro PJ, Liu SS, Boykin LM, Dinsdale AB, 2011. *Bemisia tabaci*: a statement of species status. *Annu. Rev. Entomol.*, 56: 1 - 19.
- De Barro PJ, Scott KD, Graham GC, Lange CL, Schutze MK, 2003. Isolation and characterization of microsatellite loci in *Bemisia tabaci*. *Mol. Ecol. Notes*, 3(1): 40 - 43.
- Gelembiuk GW, May GE, Lee CE, 2006. Phylogeography and systematics of zebra mussels and related species. *Mol. Ecol.*, 15: 1033 - 1050.
- Gibson G, Dworkin I, 2004. Uncovering cryptic genetic variation. *Nature Rev. Genet.*, 5: 681 - 690.
- Hu J, De Barro PJ, Zhao H, Wang J, Nardi F, Liu SS, 2011. An extensive field survey combined with a phylogenetic analysis reveals rapid and widespread invasion of two alien whiteflies in China. *PLoS ONE*, 6(1): e16061. doi: 10.1371/journal.pone.0016061.
- Lee CE, Gelembiuk GW, 2008. Evolutionary origins of invasive populations. *Evol. Appl.*, 1: 427 - 448.
- Librado P, Rozas J, 2009. DnaS Pv5: a software for comprehensive

- analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25: 1451 – 1452.
- Pan HP, Chu D, Ge DQ, Wang SL, Wu QJ, Xie W, Jiao XG, Liu BM, Yang X, Yang NN, Su Q, Xu BY, Zhang YJ, 2011. Further spread of and domination by *Bemisia tabaci* biotype Q on field crops in China. *J. Econ. Entomol.*, 104: 978 – 985.
- Rao Q, Luo C, Zhang H, Guo X, Devine GJ, 2011. Distribution and dynamics of *Bemisia tabaci* invasive biotypes in central China. *Bull. Entomol. Res.*, 101(1): 81 – 88.
- Shi W, Geng YP, Ou XK, 2010. Genetic diversity and invasion success of alien species: where are we and where should we go? *Biodiversity Science*, 18(6): 590 – 597. [施雯, 耿宇鹏, 欧晓昆, 2010. 遗传多样性与外来物种的成功入侵: 现状和展望. 生物多样性, 18(6): 590 – 597]
- Teng X, Wan FH, Chu D, 2010. *Bemisia tabaci* biotype Q dominates other biotypes across China. *Fla. Entomol.*, 93: 363 – 368.
- Tsagkarakou A, Roditakis N, 2003. Isolation and characterization of microsatellite loci in *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Mol. Ecol. Notes*, 3: 196 – 198.
- Tsutsui ND, Suarez AV, Holway DA, Case TJ, 2001. Relationships among native and introduced populations of the Argentine ant (*Linepithema humile*) and the source of introduced populations. *Mol. Ecol.*, 10: 2151 – 2161.
- Wang ZY, Yan HF, Yang YH, Wu YD, 2010. Biotype and insecticide resistance status of the whitefly *Bemisia tabaci* from China. *Pest Manag. Sci.*, 66(12): 1360 – 1366.
- Winkler G, Dodson JJ, Lee CE, 2008. Heterogeneity within the native range: population genetic analyses of sympatric invasive and noninvasive populations of the freshwater invading copepod *Eurytemora affinis*. *Mol. Ecol.*, 17: 415 – 430.
- Yeh FC, Yang R, Boyle T, 1999. POPGENE version 1.31, Microsoft windows-based free ware for population genetic analysis. University of Alberta, Edmonton, AB, Canada.

(责任编辑: 袁德成)